Iranian Journal of Animal Science Research
Vol. 13, No. 3, Fall 2021, p. 463-474

نشریه پژوهشهای علوم دامی ایران
جلد ۱۳، شماره ۳، پاییز ۱۴۰۰، ص. ۴۷۴-۴۶۳

مقاله علمی - پژوهشی

نوترکیبی و انتخاب چند صفتی در پنج والد ژاپنی- شکل کرم ابریشم

معین الدین مواج پور[۱]، سید ضیاءالدین میر حسینی[۲]، سید حسین حسینی مقدم[۳*]، شهلا نعمت اللهیان[۴]، فرجاد رفیعی[۵]، نوید قوی حسین زاده[۶]، یوسف خیرخواه[۷]

تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۰۵/۱۹
تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۰۳/۰۹

مواج پور، م.، س. ض. میرحسینی، س. ح. حسینی مقدم، ش. نعمت اللهیان، ف. رفیعی، ن. قوی حسین زاده، و ی. خیرخواه. ۱۴۰۰. نوترکیبی و انتخاب چند صفتی در پنج والد ژاپنی- شکل کرم ابریشم. پژوهشهای علوم دامی ایران ۱۳(۳): ۴۷۴-۴۶۳.

چکیده

معرفی لاین‌های جدید تجاری یکی از برنامه‌های مراکز اصلاح نژاد کرم ابریشم دنیا می باشد. ایران به دلیل برخورداری از ذخایر ژنتیکی کرم ابریشم و فناوری تولید تخم نوغان امکان معرفی لاین‌های جدید برای تولید کرم ابریشم هیبرید را دارد. در این راستا پنج لاین ژاپنی- شکل کرم ابریشم به نام های ۳۱، ۱۰۳، ۱۵۱، ۱۵۳ و ۱۵۲۴ از بین لاین‌های موجود در بانک ژن در بهار ۱۳۹۱ پرورش یافته و در قالب روش دیآلل آمیزش داده شدند. برنامه انتخاب به روش سطوح حذفی مستقل از سال ۱۳۹۳ تا سال ۱۳۹۸ اجراء و هم زمان خود لاین‌های مذکور به عنوان شاهد پرورش داده شدند. از بین ترکیبات ژنتیکی ایجاد شده شش ترکیب حفظ و بقیه حذف شدند. در بررسی حاضر صفات تولیدی وزن پیله، درصد قشر پیله، درصد پیله‌های خوب، تعداد پیله در لیتر و وزن پیله در لیتر در ترکیبات ژنتیکی و لاین‌های مربوطه به طور همزمان مقایسه شدند. وزن پیله بر مبنای متوسط سال های مذکور در ترکیب های IRA1، IRA11 وIRA7 بیشتر از لاین‌ها بود. این مزیت در صفت وزن پیله در لیتر هم دیده شد. پاسخ به انتخاب بر مبنای انحراف از لاین شاهد مادری برای وزن پیله در IRA5 و IRA1 مثبت و معنی‌دار بود. برای صفت در صد قشر پیله دو ترکیب ژنتیکی IRA1 و IRA3 که والد مادری آن ۱۰۳ است بیشترین انحراف از لاین شاهد مادری را داشتند. IRA1 از نظر صفات اقتصادی پیله عملکرد مطلوبی داشت. با این وجود هر شش ترکیب جدید ژنتیکی برای مطالعات بیشتر و انتخاب به عنوان والد تجاری به بانک ژن کرم ابریشم کشور معرفی شدند.

واژه‌های کلیدی: انتخاب، ترکیب ژنتیکی، جفت گیری تصادفی، روش سطوح حذفی مستقل، کرم ابریشم.

مقدمه

تولید پیله کرم ابریشم در مناطق معتدله دنیا چندین دهه است که با استفاده از تخم نوغان هیبرید حاصل می شود و در این میان کشورهای معدودی در دنیا امکان تولید تخم نوغان هیبرید تجاری را دارا می باشند. لیکن در گذشته که هیبریدهای کرم ابریشم معرفی نشده بود نژادهای کرم ابریشم پرورش داده می شد که حسب منطقه جغرافیایی تکامل پیدا کرده بود ند. نژاد های چینی، ژاپنی، کره ای، هندی، ایرانی و اروپایی معروف ترین نژادهای کرم ابریشم هستند. نژادهای ژاپنی و نژادهای چینی که ظاهر (فنوتیپ) و عملکرد تولیدی کاملاً متفاوتی در تخم ، لارو و پیله دارند در ابتدای قرن بیستم به عنوان پایه های والدینی هیبریدهای تجاری توسط دانشمندان ژاپنی

۱- کارشناس ارشد مرکز تحقیقات ابریشم کشور، گیلان، ایران.
۲- استاد گروه علوم دامی و گروه پژوهشی ابریشم، دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان، گیلان، ایرلن.
۳- دانشیار گروه علوم دامی و گروه پژوهشی ابریشم، دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان، گیلان، ایران.
۴- مربی پژوهشی، عضو هیات علمی مرکز تحقیقات ابریشم کشور، گیلان، ایران.
۵- استادیار گروه بیوتکنولوژی کشاورزی، دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان، گیلان، ایران.
۶- استاد گروه علوم دامی ، دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان، گیلان، ایران.
۷- کارشناس مرکز تحقیقات ابریشم کشور، گیلان، ایران.
(*- نویسنده مسئول: Email: hosseini@guilan.ac.ir)
DOI:10.22067/ijasr.2021.38311.0

معرفی شـــدند. این فناوری[1] از آن زمان تاکنون مورد اســـتفاده مراکز اصلاح نژاد کرم ابریشم دنیا قرار گرفته است (۹). لاین‌های ژاپنی- شـــکل با دارا بودن علامت های لاروی و پیله دمبلی شـــکل کاملاً از لاین های چینی- شـــکل که فاقد علائم لاروی و دارای پیله تخم مرغی شکل هستند متمایز می شوند. در مجموع بیش از ۴۳۰۰ نژاد، لاین و واریته کرم ابریشـــم در بیش از ۱۵ کشـــور جهان وجود دارد که شامل نژادهای یک نسله، دونسله و چند نسله؛ واریته های بهبود یافته، لاین‌های جهشی[2] و لاین‌های ایزوژنیک می باشند (۳ و ۵). توضیح اینکه نژادهای یک نسله کرم ابریشم تنها یک بار در سال می توانند به صورت طبیعی تفریخ و پرورش داده شوند، لیکن در مناطق استوایی که تک فصـــلی بوده و درختان خزان ندارند نژادهای چند نســـله ای تکامل پیدا کرده که در طول سال تفریخ و پرورش داده می شوند.

طرح های اصـــلاح نژادی در کشـــورهای داری ذخایر ژنتیکی کرم ابریشـــم در شـــرایطی قابل اجراء اســـت که آن ذخایر از کیفیت و تنوع لازم برخوردار باشـــد. روش اصـــلاح نژاد مبتنی بر تولید هیبرید که به طور موفقیت آمیزی در بسیاری از محصولات کشاورزی استفاده می شود وابسته به وجود هرچه بیشتر واریته های والدینی می باشد تا در ادامه بتوان با اندازه گیری قابلیت ترکیب پذیری این واریته ها، بهترین پایه پدری و مادری که بیشـــترین اثر هتروتیک را نشـــان داده اند را مشخص کرد. دلایل و مکانیسم های ایجاد اثر هتروتیک متفاوت بوده و معمولاً پس از چندین نســـل با تغییراتی که در انواع اثرات غالبیت و اپیســـتازی ایجاد می شـــود اثر هتروتیک صـــفات نیز تغییر می نماید (۱۳). عملکرد صفات در لاین‌های والدینی کرم ابریشم هیبرید شامل لاین‌های ژاپنی شکل و چینی شکل نیز پس از گذشت چندین سال به دلایل مختلف و از جمله همخونی دچار تغییر می شـــود. لذا پس از گذشـــت چند ســـال لازم اســـت با تلاقی های مجدد بین واریته های موجود، لاین های جدید معرفی نمود. در چین از بعد از جنگ جهانی دوم هر ۱۰ سال یکبار واریته های جدید جایگزین شده است (۳). در برخی مراکز اصـــلاح نژادی نظیر انســـتیتو تحقیقات نوغانداری اســـتان جیانگسو چین در طی چند دهه گذشته هر ۵ سال با انجام طرح های اصلاح نژادی ، لاین‌های جدیدی معرفی شده است (۲۰).

طرح های اصلاح نژادی در کرم ابریشم پس از ایجاد تنوع ژنتیکی با اســـتفاده از تلاقی گری درون گروهی[3] و یا بین گروهی[4] شـــروع و طی چندین نسل انتخاب چند صفتی ادامه می یابد. انتخاب چند صفتی در طرح های مرسوم اصلاح نژادی کرم ابریشم مبتنی بر روش سطوح حذفی مســـتقل[5] می باشـــد (۴ و ۱۷). هر چند که تلاش هایی برای به کارگیری شـــاخص انتخاب (۷ و ۱۹) و انتخاب تک صـــفتی (۱۵) نیز انجام شده است.

مرکز تحقیقات ابریشـــم ایران که متولی حفظ و پرورش ذخایر ژنتیکی کرم ابریشم کشور است دارای ۱۰۵ سویه ژنتیکی شامل سویه های چینی و ژاپنی- شکل، لاین‌های اصلاح شده، نژادهای بومی و تعدادی لاین سازگار با غذای مصنوعی می باشد (۶). در حال حاضر در ایران چهار واریته ژاپنی- شکل کرم ابریشم (۱۰۳، ۳۱، ۱۵۱، ۱۵۳) در خط تولید تجاری قرار داشته که سال‌ها است به عنوان یکی از پایه های والدینی هیبریدهای تجاری ۱۰۴×۱۰۳، ۱۰۳×۱۰۴، ۱۵۴×۱۵۱، ۱۵۱×۱۵۴، ۱۵۴×۱۵۳ و ۱۵۳×۱۵۴ استفاده می شوند و لازم است با توجه به مشـــکلاتی که در زمینه تولید تخم نوغان و عملکرد هیبریدهای مذکور وجود دارد والدین جدید معرفی تا هیبریدهای بهتر تولید شوند. در تحقیق حاضر ترکیب های ژنتیکی جدید با استفاده از چهار واریته ژاپنی- شـــکل تجاری مذکور و یک واریته دیگر از بانک ژن کرم ابریشـــم ایران (۱۵۲۴) انتخاب و تلاش شـــد طی ۶ نســـل بهگزینی در هر یک از ترکیبات جدید، لاین‌های جدیدی که بتوانند جایگزین‌های مناسبی برای لاین‌های ژاپنی- شکل موجود باشند تولید و معرفی شود.

مواد و روش ها

پنج لاین ژاپنی- شکل کرم ابریشم شامل ۱۵۲۴، ۱۰۳، ۳۱، ۱۵۳ و ۱۵۱ از لاین‌های موجود در بانک ژن مرکز تحقیقات ابریشم کشور در بهار ۱۳۹۱در شرایط استاندارد پرورش داده شده و به منظور ایجاد ترکیب های ژنتیکی جدید از برنامه آمیزشـــی دی آلل کامل (۵×۵) اســـتفاده شـــد. تمام ترکیبات زنتیکی شـــامل ۱۰ تلاقی مســـتقیم و ۱۰ تلاقی معکوس و ۵ والد در شرایط یکسان پرورش داده شدند. پس از دو نسل پرورش توده ای[6] در بیست ترکیب ژنتیکی ایجاد شده، ترکیب های حاصـــل از تلاقی های دو طرفه[7] با یکدیگر مخلوط شـــدند تا ده جمعیت به عنوان نسل پایه اصلاح نژادی جهت انتخاب چند صفتی[8] ایجاد شـــود. این کار ســـبب افزایش تنوع در جمعیت مبنا خواهد شـــد. انتخاب چند صـــفتی در هر ترکیب ژنتیکی بر مبنای روش ســـطوح حذفی مستقل بود. در این روش برای هر صفت یک مقدار معینی که بر اساس تجارب قبلی حاصل شده است مشخص کرده و کرم های ابریشـــمی که بالاتر از آن حد مشـــخص باشـــند انتخاب می شـــوند به عنوان مثال وزن پیله بالاتر از ۱/۴ گرم در ماده ها و ۱/۳ گرم در نرها انتخاب شدند.

چون در اصلاح نژاد کرم ابریشم محصول هر پروانه به صورت خانوادگی پرورش داده می شود، امکان انتخاب خانوادگی برای صفاتی که وراثت پذیری کمتری دارند (نظیر صـــفات تولید مثلی و ماندگاری) فراهم می باشـــد (۴). لذا در این تحقیق تلفیقی از انتخاب خانوادگی و انفرادی اســـتفاده شـــد. ویژگی هایی نظیر حســـاســـیت به آلودگی

1 - Two-parental hybrids
2 - Mutant
3 - Intrastrain Hybridization
4 - Interstrain Hybridization

5 - Independent Culling Levels
6-Mass Rearing
7- Reciprocal
8- Multiple Trait Selection

میکروسپور یدیابی، کیفیت و یکنواختی رنگ تخم، یکنواختی در رفتارهای دوران لاروی و تلفات دوران لاروی دلایل حذف خانواده های ضعیف در قبل از پیله تنی بودند. بعد از برداشت و تفکیک پیله ها، پیله های متوسط و ضعیف حذف شده و صفات مربوط به پیله رکوردگیری شدند. صفات خانوادگی در این مرحله شامل وزن کل پیله تولیدی، وزن کل پیله‌های خوب، درصد پیله‌های خوب، درصد ماندگاری شفیره، تعداد پیله در لیتر و میانگین وزن یک پیله بودند. صفات انفرادی شامل وزن پیله، وزن قشر پیله و درصد قشر پیله بودند. در انتها پروانه‌هایی که بالاترین رکورد را از نظر وزن پیله و درصد قشر پیله در بین تمام خانواده ها داشتند انتخاب و تلاقی داده شدند.

پنج لاین ژاپنی – شکل کرم ابریشم مذکور در تمام سال ها به عنوان لاین‌های شاهد با آمیزش تصادفی تجدید نسل شدند. تمامی پرورش‌ها در یک محیط استاندارد پرورشی (اتاق های با قابلیت تنظیم دما و رطوبت) با رعایت موازین بهداشتی و استفاده از ارقام اصلاح شده توت موجود (در کرم جوان از برگ توت واریته کایرونزومگاشی و در کرم بالغ از برگ توت واریته های ایچی نویسه و کن موچی) در مرکز تحقیقات ابریشم کشور انجام شد. به دلیل اینکه چهار مورد از ۱۰ ترکیب ژنتیکی نسبت به بیماری ها حساس بودند، این ژنوتیپ ها به طور کامل در سال ۹۵ حذف و تنها شش ترکیب تا انتهاء طرح (سال ۱۳۹۸) بهبود ژنتیکی داده شدند (جدول ۱). ترکیب های حذفی ۳۱×۱۵۲۴، ۳۱×۱۵۱، ۱۵۲۴×۱۵۱ و ۱۰۳×۳۱ بودند. در پایان پژوهش شش ترکیب ژنتیکی جدید ژاپنی – شکل حاصل از این طرح جهت نگهداری در بانک ژن نام گذاری شدند (جدول ۱).

در این تحقیق به منظور مقایسه عملکرد ترکیبات جدید حاصل از اجرای پروژه، تغییرات در دو صفت وزن پیله و درصد قشر پیله به عنوان صفات هدف اصلاح نژادی[1] و سه صفت درصد پیله‌های خوب، وزن پیله در لیتر و تعداد در لیتر به عنوان صفات مهم اقتصادی کرم ابریشم بررسی شدند. تجزیه دو عاملی (شامل ۶ ژنوتیپ و ۵ سال) در قالب طرح کاملاً تصادفی با شش تکرار انجام و نتایج با استفاده از نرم افزار آماری SAS رویه GLM آنالیز شدند. جهت ارزیابی ژنوتیپ‌های برتر و بررسی تفاوت بین آنها و لاین های خالص والدینی و همچنین تفاوت بین نسل‌های مختلف، میانگین حداقل مربعات ژنوتیپ‌ها برای هر صفت بطور جداگانه و در هر سال پس از تصحیح با روش توکی- کرامر مقایسه شدند. مدل تجزیه آماری به شرح زیر بود:

$$y_{ijk} = \mu + G_i + T_j + \left(G \times T\right)_{ij} + e_{ijk}$$

که در آن، y_{ijk} مقدار مشاهده هر صفت، μ میانگین مشاهدات برای هر صفت، G_i اثر ژنوتیپ i ام، T_j اثر سال j ام و e_{ijk} اثر تصادفی باقیمانده بود.

نتایج و بحث

باتوجه به اینکه در دوران انتخاب در این طرح اصلاح نژادی در هر سال یکبار پرورش کرم ابریشم انجام شد بنابراین بجز اثر ژنوتیپ تنها اثر سال بر داده های صفات مختلف اثر گذار بود. جدول ۲ نتایج تجزیه واریانس مربوط به صفات مهم اقتصادی در تمامی لاین‌ها و ترکیب های کرم ابریشم ژاپنی- شکل را نشان می دهد. اثرات ژنوتیپ، سال و اثر متقابل ژنوتیپ و سال برای تمامی صفات مورد بررسی شامل تعداد پیله به ازای هر لیتر، وزن پیله به ازای هر لیتر، درصد پیله های خوب، وزن پیله و درصد قشر پیله بسیار معنی دار بود. اثر متقابل ژنتیکی - محیطی یک عنصر اصلی و مهم برای اصلاح گر در زمانی است که پروژه اصلاح نژادی انجام می شود. معنی داری اثر سال نشان دهنده تأثیر شرایط محیطی بر عملکرد صفات اقتصادی است. با توجه به اینکه این طرح در شرایط کنترل شده دمایی و رطوبتی و استفاده از یک نوع برگ توت جهت تغذیه تمام ژنوتیپ های کرم ابریشم مورد بررسی (مزرعه اختصاصی مرکز تحقیقات ابریشم کشور) اجراء شده است، به نظر می رسد کیفیت برگ توت عامل اصلی در معنی دار شدن اثر سال باشد. یکی از عوامل اصلی در کیفیت برگ توت رطوبت آن است. رطوبت مطلوب برگ توت بر میزان مصرف، هضم و جذب مواد مغذی اثر می گذارد. آزمایشی که بر روی یک هیبرید کرم ابریشم انجام شد نشان داد که رطوبت برگ توت سرعت رشد لاروی، وزن لاروی، وزن پیله ، وزن قشر پیله و طول الیاف ابریشمی را به طور معنی داری تغییر می دهد (۱۱).

در برنامه اصلاح نژادی حاضر، انتخاب انفرادی متعاقب انتخاب خانوادگی و به عنوان بخشی از انتخاب چند صفتی (روش سطوح حذفی مستقل) اجراء شد. جداول ۳ تا ۷ تغییرات در صفات مورد بررسی در طی سال های اجراء برنامه انتخاب (۱۳۹۳ الی ۱۳۹۸) را نشان می دهد. در این جداول داده های مربوط به گروه لاین‌های غیر انتخابی نیز به تفکیک سال نشان داده شده است. ستون آخر متوسط عملکرد صفات در طی نسل های G2، G3، G4 و G5 در هر دو گروه انتخابی و غیر انتخابی می باشد. به عبارتی نتیجه اولین انتخاب (عملکرد G1) در میانگین مذکور وارد نشده است. در لاین های والدینی انتخاب پروانه های هر لاین به صورت تصادفی بوده و هیچ انتخابی اعمال نشد. برای صفت وزن پیله (جدول ۳) کمترین وزن پیله در بین تمام لاین ها و ترکیبات ژنتیکی مربوط به لاین ۳۱ بود و ترکیب های IRA1 و IRA11 بیشترین میانگین وزن پیله را داشتند که هر سه نسبت به دیگر لاین‌ها برتری نشان دادند. سایر لاین‌ها و ترکیب‌ها، اختلاف معنی داری نداشتند. برای درصد قشر پیله (جدول ۴) هیچکدام از ترکیب های حاصل از لاین‌های ژاپنی در تمام سال های مورد بررسی، نسبت به والدین برتری کاملی نداشته و عملکرد ترکیبات ژنتیکی جدید در این صفت از لاین های والدینی ۳۱ و ۱۵۲۴ کمتر بود.

1- Breeding Goal Traits

جدول ۱- نامگذاری ترکیبات ژنتیکی جدید حاصل از پنج والد کرم ابریشم ژاپنی – شکل

Table 1- Naming of new genetic combinations produced by five parental Japanese-shape silkworm lines

لاین‌های والد ژاپنی شکل	1	2	3	4	5	
Parental Japanes-shape lines	31	103	151	153	1524	
نام های جدید ترکیبات ژنتیکی	1	2	3	4	5	6
New name	31×153	151×153	103×151	103×153	153×1524	1524×103
for genetic combinations	IRA5	IRA7	IRA1	IRA3	IRA11	IRA9

جدول۲- تجزیه واریانس صفات مهم (میانگین مربعات) برای ژنوتیپ های ژاپنی- شکل کرم ابریشم

Table 2- ANOVA of important traits (Mean Squares) for the Japanese-shape silkworm genotypes

منبع تغییرات Source of Variation	تعداد پیله در لیتر Cocoon Number /Litre	وزن پیله در لیتر Cocoon Weight /Litre (g)	درصد قشر پیله Cocoon Shell Percentage (%)	وزن پیله Cocoon Weight(g)	درصد پیله خوب Best Cocoon Percentage(%)
Model	72129.250 ***	149.174 ***	34134.947***	865.507***	112827.012***
Genotype	417.249***	1956.914 ***	75.223***	8.459**	316.162***
Year	1480.545***	103.020 ***	814.374***	24.683***	6155.987***
Genotype×Year	100.215***	30.480***	44.776 ***	0.816***	61.305***
Error	45.22	17.699	17.69	0.13	1.778
R^2	0.997	0.997	0.997	0.995	0.995

(P<0.01) ; * (P<0.001)

جدول ۳ – میانگین حداقل مربعات وزن پیله در بین لاین‌های کرم ابریشم و ترکیب های حاصل از آنها از نسل صفر تا نسل پنجم

Table 3- Least-squares means for cocoon weight among silkworm lines and their crossing from G0 to G5

نوع ژنوتیپ Genotype	روش انتخاب Selection Method	میانگین حداقل مربعات وزن پیله Least-squares means of cocoon weight (g)						
		G0	G1	G2	G3	G4	G5	Average[1]
31	No Selection (R.M.)[2]	1.591±0.007	1.592 ±0.008 ^{d}	1.592 ±0.006 ^{d}	1.563 ±0.006 ^{d}	1.572 ±0.006 e	1.588 ±0.005 ^{d}	1.579 ±0.003 ^{d}
103	No Selection (R.M.)	1.720 ±0.007	1.755 ±0.008 ^{a}	1.755 ±0.006 ^{a}	1.642 ±0.006 ^{bcd}	1.615 ±0.006 de	1.640 ±0.005 ^{cd}	1.663 ±0.003 ^{cd}
151	No Selection (R.M.)	1.648 ±0.007	1.713 ±0.008 ^{ab}	1.713 ±0.006 ^{abc}	1.663 ±0.006 ^{bc}	1.733 ±0.006 ^{bc}	1.693 ±0.005 ^{bc}	1.701 ±0.003 ^{bcd}
153	No Selection (R.M.)	1.647 ±0.007	1.674 ±0.008 ^{bc}	1.672 ±0.006 ^{bc}	1.670 ±0.006 ^{abc}	1.708 ±0.006 ^{bcd}	1.689 ±0.005 ^{bc}	1.690 ±0.003 ^{cd}
1524	No Selection (R.M.)	1.705 ±0.007	1.624 ±0.008 ^{cd}	1.625 ±0.006 ^{cd}	1.624 ±0.006 ^{cd}	1.701 ±0.006 ^{bcd}	1.633 ±0.005 ^{de}	1.646 ±0.003 ^{cd}
IRA5	I. C. L.[3]	1.693 ±0.007	1.653 ±0.008 ^{bcd}	1.671 ±0.006 ^{bc}	1.623 ±0.006 ^{cd}	1.706 ±0.006 ^{bcd}	1.654 ±0.005 ^{de}	1.664 ±0.003 ^{cd}
IRA7	I. C. L.	1.763 ±0.007	1.677 ±0.008 ^{bc}	1.727 ±0.006 ^{ab}	1.678 ±0.006 ^{abc}	1.774 ±0.006 ^{bc}	1.669 ±0.005 ^{bcd}	1.712 ±0.003 ^{ab}
IRA1	I. C. L.	1.796 ±0.007	1.715 ±0.008 ^{ab}	1.759 ±0.006 ^{a}	1.723 ±0.006 ^{a}	1.780 ±0.006 ^{abc}	1.765 ±0.005 ^{a}	1.757 ±0.003 ^{a}
IRA3	I. C. L.	1.719 ±0.007	1.760 ±0.008 a	1.700 ±0.006 abc	1.689 ±0.006 ab	1.693 ±0.006 ^{cd}	1.960 ±0.005 ^{cd}	1.693 ±0.003 ^{cd}
IRA11	I. C. L.	1.776 ±0.007	1.679 ±0.008 ^{bc}	1.734 ±0.006 ^{ab}	1.693 ±0.006 ^{ab}	1.800 ±0.006 ^{a}	1.718 ±0.005 ^{ab}	1.736 ±0.003 ^{a}
IRA9	I. C. L.	1.759 ±0.007	1.652 ±0.008 ^{bcd}	1.666 ±0.006 ^{bcd}	1.643 ±0.006 ^{bcd}	1.652 ±0.006 ^{cd}	1.651 ±0.005 ^{cd}	1.656 ±0.003 ^{cd}

[a,b] میانگین‌های هر ستون با حروف متفاوت دارای اختلاف معنی‌دار می‌باشند (P<۰/۰۵).

[۱] میانگین چهار نسل آخر

[۲] جفت دادن تصادفی پروانه

[۳] روش سطوح حذفی مستقل

[a, b] Least-squares means with different superscripts within the same column differ significantly (P<0.05)

[1] Avarage of last four generation (G2, G3, G4 and G5)

[2] Random Matting

[3] Independent Culling Level

جدول ٤ – میانگین حداقل مربعات درصد قشر پیله در بین لاین‌های کرم ابریشم و ترکیب های حاصل از آنها از نسل صفر تا نسل پنجم

Table 4- Least-squares means for cocoon shell percentage among silkworm lines and their crossing from G0 to G5

نوع ژنوتیپ Genotype	روش انتخاب Selection Method	میانگین حداقل مربعات درصد قشر پیله Least-squares means of cocoon shell percentage (%)						
		G0	G1	G2	G3	G4	G5	Average[1]
31	No Selection (R.M.)[2]	19.39 ±0.086	19.77 ±0.068 ^{a}	19.77 ±0.066 ^{a}	20.07 ±0.068 ^{a}	20.74 ±0.066 ^{cd}	20.25 ±0.071 ^{cde}	20.22 ±0.029 ^{a}
103	No Selection (R.M.)	19.17 ±0.086	19.24 ±0.068 ^{bc}	19.24 ±0.066 ^{bcd}	18.20 ±0.068 ^{de}	19.97 ±0.066 ^{bc}	20.60 ±0.071 ^{abc}	19.50 ±0.029 ^{cde}
151	No Selection (R.M.)	18.84 ±0.086	19.43 ±0.068 ^{abc}	19.47 ±0.066 ^{bc}	19.34 ±0.068 ^{bc}	19.61 ±0.066 ^{cd}	20.36 ±0.071 ^{cd}	19.70 ±0.029 ^{cd}
153	No Selection (R.M.)	19.09 ±0.086	19.13 ±0.068 ^{bc}	19.15 ±0.066 ^{cd}	18.91 ±0.068 ^{cd}	20.29 ±0.066 ^{ab}	20.32 ±0.071 ^{cd}	19.67 ±0.029 ^{cd}
1524	No Selection (R.M.)	19.00 ±0.086	19.45 ±0.068 ^{abc}	19.45 ±0.066 ^{bc}	19.80 ±0.068 ^{ab}	20.35 ±0.066 ^{a}	21.49 ±0.071 ^{a}	20.27 ±0.029 ^{a}
IRA5	I. C. L.[3]	19.47 ±0.086	19.10 ±0.068 ^{bc}	19.47 ±0.066 ^{bc}	19.12 ±0.068 ^{cd}	19.89 ±0.066 ^{bc}	20.03 ±0.071 ^{ed}	19.63 ±0.029 ^{cd}
IRA7	I. C. L.	19.71 ±0.086	18.54 ±0.068 ^{cd}	19.63 ±0.066 ^{ab}	18.14 ±0.068 ^{e}	19.49 ±0.066 ^{de}	19.92 ±0.071 ^{def}	19.30 ±0.029 ^{de}
IRA1	I. C. L.	19.05 ±0.086	19.13 ±0.068 ^{bc}	19.23 ±0.066 ^{bcd}	19.15 ±0.068 ^{cd}	20.01 ±0.066 ^{bc}	20.74 ±0.071 ^{bc}	19.78 ±0.029 ^{bc}
IRA3	I. C. L.	19.97 ±0.086	18.97 ±0.068 bcd	19.76 ±0.066 ^{a}	19.09 ±0.068 ^{cd}	19.51 ±0.066 ^{de}	19.81 ±0.071 ^{ef}	19.54 ±0.029 ^{bcd}
IRA11	I. C. L.	19.32 ±0.086	18.45 ±0.068 ^{d}	19.98 ±0.066 ^{d}	18.26 ±0.068 ^{de}	19.34 ±0.066 ^{d}	19.41 ±0.071 ^{f}	19.00 ±0.029 ^{e}
IRA9	I. C. L.	19.33 ±0.086	19.19 ±0.068 bc	19.32 ±0.066 ^{bc}	19.09 ±0.068 ^{cd}	19.72 ±0.066 ^{bcd}	20.67 ±0.071 ^{bc}	19.70 ±0.029 ^{cd}

[a,b] میانگین‌های هر ستون با حروف متفاوت دارای اختلاف معنی‌دار می‌باشند (P<۰/۰۵).

[۱] میانگین چهار نسل آخر

[۲] جفت دادن تصادفی پروانه

[۳] روش سطوح حذفی مستقل

[a, b] Least-squares means with different superscripts within the same column differ significantly (P<0.05)

[1]Avarage of last four generation (G2, G3, G4 and G5)

[2] Random Matting

[3] Independent Culling Level

IRA11 که بیشترین وزن پیله را داشت در صد قشر پیله اش از دیگر لاین‌ها کمتر بود. البته این موضوع با توجه به همبستگی ژنتیکی کم و حتی همبستگی فنوتیپی منفی بین این دو صفت که در تحقیقات دیگر گزارش شده قابل پیش بینی می با شد (۸). برای صفت در صد پیله های خوب (جدول ۵) بر مبنای متوسط عملکرد سال های انتخابی، هیچکدام از ترکیب ها نسبت به والدین برتری نشان ندادند و بین ترکیب ها نیز به جز IRA3 که کمترین درصد پیله خوب را نشان داد اختلاف معنی داری با همدیگر نشان ندادند و همه عملکرد تقریباً یکسانی در این صفت داشتند. این موضوع نشان داد که برنامه انتخاب استفاده شده نتوانسته تغییر چندانی در این صفت ایجاد نماید.

جدول ۶ میانگین تعداد پیله در لیتر به عنوان معیار اندازه پیله را در لاین‌ها و ترکیب های مختلف به تفکیک سال نشان می دهد. تقریباً تمام ترکیب های ژنتیکی اندازه پیله بزرگتری نسبت به والدین بجز لاین 153 داشتند. این موضوع نشان می دهد که در نتیجه انتخاب، افزایش وزن پیله با افزایش اندازه پیله همراه شده است. برای صفت وزن پیله در یک لیتر (جدول ۷) بیشترین میانگین را در بین ترکیب های ژنتیکی IRA1 و IRA11 داشت که بسیار نزدیک به نتایج وزن پیله انفرادی می باشد. لاین‌ها و ترکیب‌هایی که دارای پیله های درشت تری بودند، در صفت میانگین وزن پیله در لیتر رکورد کمتری داشتند. این موضوع تقریباً باتوجه به اینکه در این حالت تعداد شفیره کمتری در واحد حجم وجود خواهد داشت قابل توجیه است. به نظر می رسد لاین ۱۵۳ که در پایه پدری ترکیب‌های IRA7 و IRA3 استفاده شده است، در درشت‌تر شدن پیله ها و پایین بودن میانگین وزن پیله ها در لیتر تأثیر گذاشته است.

انتخاب زمانی مؤثر است که تنوع ژنتیکی کافی وجود داشته باشد. تنوع آللی سبب توانایی جمعیت در پاسخ به انتخاب در طی نسل های متمادی و درنهایت بقای جمعیت می‌شود (۵). در کرم ابریشم برای ایجاد تنوع از آمیزش های درون نژادی و یا بین نژادی استفاده می شود. اصلاح نژاد کرم ابریشم بر مبنای ایجاد ترکیبات ژنتیکی جدید در بین والدین چینی یا ژاپنی و انتخاب بهترین ترکیب از میان آنها

یک روش مرسوم در معرفی لاین‌های تجاری جدید می باشد (۳ و ۶). انتخاب انفرادی و خانوادگی صـــفات مختلف کرم ابریشـــم در برنامه ســطوح حذفی مســتقل به این معنی اســت که خانواده هایی که برای حتی یک صفت ضعیف باشند حذف خواهند شد. برای انتخاب انفرادی که نیازمند رکورد گیری انفرادی اســت نیز تنها پیله هایی انتخاب می شوند که بیشترین وزن پیله و در صد قشر پیله را داشته باشند. به طورکلی توسعه متعادل تمام صفات اقتصادی برنامه اصلی یک برنامه اصلاح نژادی کرم ابریشم است (۲۰).

جدول ۸ تفاوت کلی ژنوتیپ های کرم ابریشـــم برای دو صـــفت انتخابی وزن پیله و درصـد قشـر پیله بر مبنای انحراف از لاین شـاهد مادری در همان سال مربوطه طی سال های ۱۳۹۵ تا ۱۳۹۸ را نشان می دهد. به عنوان مثال میانگین صـــفت وزن پیله ترکیب IRA5 از میانگین لاین ۳۱ در همان سال مربوطه کسر شده است. مقایسه میانگین انجام شده بر مبنای انحراف داده های تنها ۴ سال (۱۳۹۵، ۱۳۹۶، ۱۳۹۷ و ۱۳۹۸) بوده اســـت. با توجه به اثر بســـیار معنی دار محیط (سـال پرورش) بر داده های صـفات کمی کرم ابریشـم معمولاً پاسخ به انتخاب بلافاصله حاصل نمی شود، لذا داده های سال ۱۳۹۴ که پاسخ تنها یک نسل انتخاب بود در محاسبات مربوط به جدول ۸ وارد نشد. پاسخ انتخاب تنها برای دو صفت وزن پیله و در صد قشر پیله که معیار انتخاب انفرادی پیله های برتر در تمامی نسـل ها بودند محاسبه شد. نتایج نشان داد تفاوت بین ترکیب های ژنتیکی در هر دو صـفت وزن پیله و درصـد قشـر یک پیله از نظر آماری معنی دار بود (P<۰/۰۵). با توجه به جدول ۸، پاسـخ به انتخاب برای وزن پیله در تمام لاین‌ها مثبت بوده است. پاسخ به انتخاب برای وزن پیله انفرادی در IRA9 و IRA7 نسـبت به IRA5 و IRA1 کمتر بود(P<۰/۰۵). IRA3 و IRA11 پاسخ به انتخاب حدوسطی داشتند. در مورد صفت درصـد قشـر پیله IRA1 و IRA3 که والد مادری آن ۱۰۳ اسـت بیشترین پیشرفت ژنتیکی را داشتند. IRA9 که افزایش وزن پیله اش کمتر از بقیه بود (جدول ۸) نه تنها برای درصد قشر پیله نسبت به والد مادری پیشرفتی در طی این سال ها نشان نداد بلکه کمترین مقدار را نسبت به بقیه ترکیب های ژنتیکی نشان داد.

جدول ۵ – میانگین حداقل مربعات صفت درصد پیله های خوب در تمامی لاین‌ها و ترکیب های ژنتیکی تولید شده از نسل صفر تا نسل پنجم

Table 5- Least-squares means for good cocoons percentage among silkworm lines and their crossing from G0 to G5

نوع ژنوتیپ Genotype	روش انتخاب Selection Method	میانگین حداقل مربعات درصد پیله خوب Least-squares means of good cocoon percentage (%)						
		G0	G1	G2	G3	G4	G5	Average[1]
31	No Selection (R.M.)[2]	81.50 ±1.103	83.82±1.337 [a]	86.15 ±1.512 [ab]	84.51 ±1.759 [a]	82.52 ±1.687 [bc]	90.31 ±1.256 [ab]	85.87 ±1.684 [ab]
103	No Selection (R.M.)	84.75±1.369	82.52 ±1.337 [ab]	86.02 ±1.538 [ab]	80.11 ±1.759 [a]	85.29 ±1.687 [b]	91.86 ±1.256 [a]	85.82±1.338 [ab]
151	No Selection (R.M.)	83.23 ±1.103	82.59 ±1.315 [abc]	89.44 ±1.512 [a]	81.88 ±1.488 [ab]	87.73 ±1.386 [a]	89.30 ±1.776 [ab]	87.09 ±1.787 [a]
153	No Selection (R.M.)	85.27 ±1.052	76.76 ±1.396 [abc]	79.09 ±1.538 [c]	83.04 ±1.759 [a]	85.63 ±1.386 [b]	87.02 ±1.256 [ab]	83.70 ±1.721 [ab]
1524	No Selection (R.M.)	80.97 ±1.835	74.04 ±1.315 [abc]	86.65 ±1.512 [ab]	82.09 ±1.488 [ab]	82.89 ±1.687 [ab]	91.87 ±1.256 [a]	85.85 ±1.638 [ab]
IRA5	I. C. L.[3]	74.69 ±1.18	78.62 ±1.337 [abc]	81.75 ±1.512 [bc]	85.55 ±1.488 [a]	83.92 ±1.386 [ab]	90.89 ±1.776 [ab]	85.38 ±1.767 [ab]
IRA7	I. C. L.	83.48 ±1.369	72.99 ±1.337 [c]	85.89 ±1.175 [ab]	80.40 ±1.759 [ab]	86.37 ±1.386 [ab]	84.30 ±1.776 [b]	84.09 ±1.365 [ab]
IRA1	I. C. L.	79.90 ±1.052	72.64 ±1.315 [c]	84.33 ±1.512 [bc]	82.76 ±1.759 [ab]	79.88 ±1.386 [ab]	86.25 ±1.776 [ab]	83.31 ±1.375 [ab]
IRA3	I. C. L.	83.48 ±1.052	75.92 ±1.337 [abc]	80.81 ±1.538 [c]	72.73 ±1.759 [b]	85.89 ±1.687 [c]	90.44 ±1.256 [ab]	82.34 ±1.338 [b]
IRA11	I. C. L.	83.50 ±1.052	78.76 ±1.396 [abc]	82.61 ±1.776 [bc]	86.68 ±1.488 [a]	81.65 ±1.687 [ab]	88.94 ±1.256 [ab]	84.79 ±1.481 [ab]
IRA9	I. C. L.	82.36 ±1.103	78.62 ±1.315 [abc]	83.67 ±1.512 [bc]	84.11 ±1.488 [a]	84.30 ±1.687 [ab]	89.85 ±1.776 [ab]	85.65 ±1.338 [ab]

[a,b] میانگین‌های هر ستون با حروف متفاوت دارای اختلاف معنی‌دار می‌باشند (P<۰/۰۵).

[۱] میانگین چهار نسل آخر

[۲] جفت دادن تصادفی پروانه

[۳] روش سطوح حذفی مستقل

[a, b] Least-squares means with different superscripts within the same column differ significantly (P<0.05)

[1]Avarage of last four generation (G2, G3, G4 and G5)

[2] Random Matting

[3] Independent Culling Level

جدول ٦ – میانگین حداقل مربعات صفت تعداد پیله در لیتر در تمامی لاین‌ها و ترکیب‌های ژنتیکی تولید شده از نسل صفر تا نسل پنجم

Table 6- Least-squares means for cocoon number/litre among silkworm lines and their crossing from G0 to G5

نوع ژنوتیپ Genotype	روش انتخاب Selection Method	میانگین حداقل مربعات تعداد پیله در لیتر Least-squares means of cocoon number/litre						
		G0	G1	G2	G3	G4	G5	Average[1]
31	No Selection (R.M.)[2]	81.50 ±1.103	118 ±1.243 ^{ab}	122 ±1.184 ^{ab}	133 ±1.613 ^{ab}	142 ± 1.380 ^{a}	130 ±1.407 ^{ab}	134 ±1.150 ^{a}
103	No Selection (R.M.)	84.75±1.369	119 ±1.243 ^{a}	120 ±1.184 ^{abc}	138 ±1.555 ^{a}	135 ± 1.380 ^{a}	120 ±1.702 ^{bcd}	131 ±1.636 ^{ab}
151	No Selection (R.M.)	83.23 ±1.103	119 ±1.243 ^{abc}	125 ±1.335 ^{a}	131 ±1.555 ^{ab}	126 ±1.097 ^{abc}	133±1.702 ^{a}	129 ±1.121 ^{abc}
153	No Selection (R.M.)	85.27 ±1.052	116 ±1.885 ^{bc}	119 ±1.335 ^{bc}	125 ±1.613 ^{bc}	107 ± 1.097 ^{d}	122 ±1.407 ^{abcd}	118 ±1.216 ^{cd}
1524	No Selection (R.M.)	80.97 ±1.835	114 ±1.885 ^{bc}	119 ±1.567 ^{bc}	131 ±1.555 ^{ab}	137± 1.380 ^{ab}	127 ±1.407 ^{abc}	129 ±1.680 ^{abc}
IRA5	I. C. L.[3]	111 ±1.268	114 ±1.243 ^{bc}	120 ±1.089 ^{bc}	126 ±1.613 ^{bc}	123 ±1.380 ^{bcd}	115±1.607 ^{cd}	121 ±1.210 ^{bcd}
IRA7	I. C. L.	107 ±1.774	115 ±1.243 ^{bc}	120 ±1.089 ^{bc}	123 ±1.613 ^{c}	110 ±1.380 ^{cd}	107 ±1.702 ^{d}	115 ±1.636 ^{d}
IRA1	I. C. L.	116 ±1.268	114 ±1.885 ^{bc}	119 ±1.567 ^{bc}	124 ±1.555 ^{c}	121 ±1.097 ^{bcd}	119 ±1.702 ^{bcd}	121 ±1.136 ^{bcd}
IRA3	I. C. L.	112 ±1.268	112 ±1.243 ^{c}	117 ±1.184 ^{c}	120 ±1.613 ^{c}	119 ±1.097 ^{bcd}	112 ±1.407 ^{cd}	117 ±1.241 ^{cd}
IRA11	I. C. L.	114 ±1.268	112 ±1.243 ^{c}	123 ±1.522 ^{ab}	127 ±1.613 ^{bc}	121 ±1.380 ^{bcd}	115 ±1.407 ^{cd}	122 ±1.636 ^{bcd}
IRA9	I. C. L.	115 ±1.636	117 ±1.885 ^{ab}	125 ±1.567 ^{a}	127 ±1.613 ^{a}	126 ± 1.380 ^{abc}	115 ±1.407 ^{cd}	123 ±1.387 ^{bcd}

[a,b] میانگین‌های هر ستون با حروف متفاوت دارای اختلاف معنی‌دار می‌باشند (P<۰/۰۵).

[۱] میانگین چهار نسل آخر

[۲] جفت دادن تصادفی پروانه

[۳] روش سطوح حذفی مستقل

[a,b] Least-squares means with different superscripts within the same column differ significantly (P<0.05)

[1]Avarage of last four generation (G2, G3, G4 and G5)

[2] Random Matting

[3] Independent Culling Level

طرح های بهنژادی مبتنی بر انتخاب درون نژادی در گذشــته نیز در ایران انجام شده ا ست. انتخاب به روش سطوح حذفی م ستقل در دو لاین ۱۰۳ و ۱۰۴ طی سال های ۱۳۷۶ تا ۱۳۸۰ منجر به بهبود صفت در صد شفیرگی (شاخص ماندگاری) شد (۴). محققین روش شاخص انتخاب سه صفتی را برای مدل‌های مختلف شاخص انتخاب برر سی و بیان دا شتند که شاخص خانوادگی بازده اقت صادی بی شتری داشــته و می تواند در برنامه انتخاب اســتفاده شــود (۷). اثر انتخاب انفرادی بر اساس وزن پیله بر روند ژنتیکی و فنوتیپی صفات اقتصادی شش واریته کرم ابریشم ایران بررسی شد (۱۴). نتایج آن بررسی نشان داد که پاسخ به انتخاب انفرادی رابطه مستقیمی با وراثت پذیری لاین ها داشــت و اجرای برنامه های انتخاب، علاوه بر اثرات ژن های افزایشـــی، اثرات ژنتیکی غیرافزایشـــی نیز تأثیر مثبتی بر روی بهبود فنوتیپی صفات دارند. روند فنوتیپی صفات وزن پیله، وزن ق شر پیله و در صد ق شر پیله در جمعیت های غیر انتخابی (به ترتیب ۰/۰۶۱- گرم در ن سل، ۰/۰۱۸- گرم در ن سل و ۰/۳۱۴- در صد در ن سل) بالاتر از جمعیت های انتخابی (به ترتیب ۰/۱۰۸- گرم در نسـل، ۰/۰۲۹- گرم در نســل و ۰/۳۷۹- درصــد در نســل) بود (P<۰/۰۱). همچنین در تحقیقی دیگر ســه نســل انتخاب در دو لاین تجاری کرم ابریشـــم بر مبنای انتخاب انفرادی برای وزن پیله (A) و وزن قشر پیله (B) بررسی شد(۱۰). نتایج نشان داد جهت بهبود میانگین وزن پیله در کوتاه مدت، استراتژی A کارآمد می‌باشد و اگر هدف بهبود صفت وزن قشر پیله در آمیخته‌ها باشـد، اسـتراتژی B می‌تواند قابل توصـیه باشـد. همچنین استراتژی A باعث بالا بردن درصد پیله‌های خوب شد.

به غیر از چین در تعداد معدودی از ک شور های دیگر نظیر هند نیز برنامه ها و تحقیقات ا صلاح نژادی اجراء می شود البته با این ویژگی که در این کشــور از واریته های کرم ابریشــم چندنســلی و دو نســلی اســتفاده می شــود (۱ ، ۳). محققان برخی خصــوصــیات چند واریته خالص کرم ابریشم و آمیخته‌های مربوط را مورد بررسی قرار دادند که نتایج حاصل نشان داد لاین‌های خالص چند نسله نسبت به لاین‌های خالص دو نســله تغییر کمتری در وزن پیله دارند (۱۲). در تحقیقی اثر

شش نسل انتخاب انفرادی و توده ای بر روی شش نژاد کرم ابریشم و برای چهار صفت وزن قشر پیله، وزن پیله، طول نخ و درصد شفیرگی مقایسه شد (۱۶). نتایج نشان داد که انتخاب انفرادی به طور معنی دار عملکرد سه صفت وزن پیله، وزن قشر پیله و طول الیاف را بهبود داد. در پژوهشی دیگر عملکرد یک لاین چند نسله و پنج لاین دو نسله کرم ابریشم به همراه ۱۳ آمیخته مربوطه برر سی شد(۲). آنها ضمن تایید وجود اختلاف در بین این واریته‌ها عنوان کردند لاین دو نسله KA و آمیخته‌های دو نسله سینگل کراس NB18×Saniish18 و NB18×J122 در مورد سه صفت از پنج صفت مورد بررسی بیشترین عملکرد را داشتند.

جدول ۷ – میانگین حداقل مربعات صفت وزن پیله در لیتر در تمامی لاین‌ها و ترکیب های ژنتیکی تولید شده از نسل صفر تا نسل پنجم

Table 7- Least-squares means for cocoon weight/litre (g) among silkworm lines and their crossing from G0 to G5

نوع ژنوتیپ Genotype	روش انتخاب Selection Method	میانگین حداقل مربعات وزن پیله در لیتر Least-squares means of cocoon weight/litre (g)						
		G0	G1	G2	G3	G4	G5	Average[1]
31	No Selection (R.M.)[2]	184.52 ±1.736	189.57 ±1.805 bc	193.68 ±1.648 cd	180.45 ±1.484 cd	199.90 ±1.065 dc	183.16 ±1.965 de	189.30 ±1.387 cde
103	No Selection (R.M.)	190.90 ±1.368	200.85 ±1.858 ab	200.83 ±1.994 bcd	193.00 ±1.878 bc	200.94 ±1.582 dc	199.49 ±1.218 ab	198.57 ±1.811 bcd
151	No Selection (R.M.)	178.69 ±1.368	200.85 ±1.930 ab	211.42 ±1.549 a	211.46 ±1.484 a	211.51 ±1.065 abc	200.31 ±1.218 a	208.68 ±1.658 a
153	No Selection (R.M.)	179.98 ±1.907	188.84 ±1.805 bc	190.75 ±1.891 d	177.27 ±1.484 d	176.56 ±1.582 e	179.85 ±1.965 e	181.04 ±1.387 e
1524	No Selection (R.M.)	187.581 ±1.907	192.25 ±1.858 abc	191.95 ±1.648 d	198.18 ±1.878 ab	223.16 ±1.582 a	193.98 ±1.218 abc	201.82 ±1.756 bc
IRA5	I. C. L.[3]	181.99 ±1.368	188.33 ±1.858 bc	192.42 ±1.459 d	186.25 ±1.878 bcd	200.85 ±1.065 cd	188.23 ±1.218 bcd	191.94 ±1.451 cde
IRA7	I. C. L.	185.78 ±1.044	198.30 ±1.930 ab	197.42 ±1.698 bcd	180.153 ±1.484 cd	190.83 ±1.065 de	196.82 ±1.218 ab	191.19 ±1.771 cde
IRA1	I. C. L.	197.87 ±1.368	201.30 ±1.858 ab	205.61 ±1.459 ab	196.82 ±1.484 abc	206.33 ±1.582 bc	200.63 ±1.965 a	202.35 ±1.387 bc
IRA3	I. C. L.	181.11 ±1.368	195.98 ±1.805 ab	192.53 ±1.697 d	180.31 ±1.878 cd	186.88 ±1.582 ed	188.34 ±1.218 bcd	187.02 ±1.636 de
IRA11	I. C. L.	188.29 ±1.368	194.79 ±1.805 abc	203.95 ±1.648 abc	196.70 ±1.878 abc	206.31 ±1.582 cb	199.35 ±1.218 ab	201.58 ±1.387 bcd
IRA9	I. C. L.	190.81 ±1.736	182.77 ±1.858 abc	201.43 ±1.994 abc	192.77 ±1.484 bc	203.11 ±1.065 cb	188.24 ±1.965 bcd	196.39 ±1.677 cd

a,b میانگین‌های هر ستون با حروف متفاوت دارای اختلاف معنی‌دار می‌باشند (P<۰/۰۵).

۱ میانگین چهار نسل آخر

۲ جفت دادن تصادفی پروانه

۳ روش سطوح حذفی مستقل

a, b Least-squares means with different superscripts within the same column differ significantly (P<0.05)

1 Avarage of last four generation (G2, G3, G4 and G5)

2 Random Matting

3 Independent Culling Level

جدول۸ – تفاوت کلی ژنوتیپ‌های کرم ابریشم برای دو صفت انتخابی بر مبنای انحراف از لاین شاهد مادری در همان سال مربوطه

Table 8- Overall difference between silkworm genotypes for the two selected traits based on deviation from maternal control line in the relevant year

ژنوتیپ Genotype	لاین شاهد Control Line	وزن پیله Cocoon Weight (g)	درصد قشر پیله Cocoon Shell Percentage (%)
IRA9	1524	0.00725 b	-1.2750 c
IRA7	151	0.01150 b	-0.4000 ab
IRA3	103	0.03000 ab	0.2800 a
IRA11	153	0.05650 ab	-0.0175 ab
IRA5	31	0.08475 a	-0.6650 bc
IRA1	103	0.09375 a	0.2388a

a,b میانگین‌های هر ستون با حروف متفاوت دارای اختلاف معنی‌دار می‌باشند (P<۰/۰۵).

a, b Means with different superscripts within the same column differ significantly (P<0.05).

در این پروژه اصلاح نژادی از بیست ترکیب ژنتیکی ایجاد شده در نتیجه آمیزش های دیآلل ۵×۵ تنها ۶ ترکیب جهت معرفی به بانک

ژن انتخاب شـــد. در واقع عملکرد این شـــش واریته از نظر صـــفات مختلف تولید مثلی، تولیدی، ماندگاری و سرعت رشد یکنواخت در طی سه سال اخیر مورد تأیید بودند. زمانی که تعداد لاین‌ها بیش از ظرفیت آزمایش هیبریداسیون باشد لازم است که شاخص ارزیابی تدوین شود تا تنها شـــایســـته ترین ترکیب های ژنتیکی انتخاب و به بانک ژن معرفی و در برنامه هیبریداسیون شرکت داده شوند؛ به عنوان مثال در تحقیقی (۱۸) سه شاخص برای ارزیابی ۲۰ نژاد دو نسله و چند نسله بانک ژن معرفی شـــد و یا برای ارزیابی ۱۸ واریته کرم ابریشـــم که از مناطق مختلف گردآوری شده بود شاخ صی با ا ستفاده از ۱۱ صفت تنظیم شد (۱).

نتیجه گیری کلی

شش ترکیب جدید ژنتیکی در این برنامه اصلاح نژادی حداقل‌های لازم برای صفات مهم اقتصادی کرم ابریشم را دارا بودند. به عبارتی ویژگی های مربوطه به پیله اعم از وزن پیله و اندازه پیله نســبت به لاین‌های والدینی برتری داشــته و می تواند به بانک ژن کرم ابریشــم معرفی شود. IRA1 در بیشتر صفات نسبت به والدین برتری داشت. این ترکیب ژنتیکی نسبت به والد مادری برای هر دو صفت وزن پیله و درصد قشر پیله عملکرد قابل قبولی از خود نشان داد و لذا می تواند در ارزیابی های بعدی مورد توجه بیشتر قرار گیرد. IRA3 نیز پاسخ به انتخاب نسبتاً خوبی نشان داد. سایر ترکیب ها از نظر درصد قشر پیله نســبت به والدین برتری قابل توجهی نداشــتند. با این وجود عملکرد کمتر در برخی صفات دلیلی بر نامطلوب بودن سویه جدید نمی باشد. زیرا انتخاب بهترین پایه های پدری و مادری (لاین‌های چینی شــکل و ژاپنی شــکل) پس از اجراء برنامه هیبریداســیون و برآورد قابلیت ترکیب پذیری خصوصی مشخص خواهد شد.

منابع

1. Bhat, S. A., M. Farooq, I. L. Khan, F. A. Kukiloo, and K. A. Sahaf. 2018. Selection of the silkworm *Bombyx mori* L. breeding resource material. International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences, 7:1612-1617.
2. Govindan, R., R. Narasimharaju., T. K. Narayanaswamy, and R. Munirajappa. 1990. Performance of some single and three-way cross hybrids of silkworm Bombyx mori for cocoon traits.Environment and Ecology, 8(3): 860-863.
3. Hosseini Moghaddam S. H. 2013. Priciples of Silkworm Rearing. 2nd Edition. University of Guilan Press (In Persian).
4. Hosseini Moghaddam, S. H., N. Emamjomeh Kashan, S. Z. Mirhosseini, and M. R. Gholami. 2005. Genetic Improvement of some traitis in four strains of silkworm (*Bombyx mori*). International Journal of Industerial Entomology, 10(2):95-99.
5. Jingade, A., K. Vijayan, P. Somasundaram, G. Srinivasababu, and C. Kamble. 2011. A review of the implications of heterozygosity and inbreeding on germplasm biodiversity and its conservation in the silkworm *Bombyx mori*. Journal of Insect Science, 11(1):1-16.
6. Mirhosseini, S. Z., and A. R. Seidavi. 2011. Iran Silkworm Germplam Guidense. University of Guilan Press (In Persian).
7. Mirhosseini, S. Z., M. Ghanipoor, A. Shadparvar, and K. Etebari. 2005. Selection indices for cocoon traits in six commercial silkworm (*Bombix mori* L.) lines. The Philippine Agricultural Scientist, 88: 328 - 336.
8. Mirhosseini, S. Z., S. Nematollahian, M. Ghanipoor, and A. Seidavi. 2010. Comparison of phenotypic and genetic performance of local silkworm groups and two commercial lines. Biological Research, 43: 411-416.
9. Nagaraju, J. 2002. Application of genetic principles for improving silk production. Current Science, 83: 409-414.
10. Nematollahian, S., P. Barzin, S. Z. Mirhosseini, M. Naserani, and A. R. Seidavi. 2013. Estimation of genetic parameters and improvement in the silkworm cocoon weight and shell cocoon weight traits using different goals of individual selection. Novin Genetic, 8(1):11-18. (In persian)
11. Rahmathulla, V. K., R. Tilak, and R. K. Rajan. 2006. Influence of moisture content of mulberry leaf on growth and silk production in *Bombyx mori* L. Caspian Journal of Environment Science, 4 (1): 25-30.
12. Rao, P. R. M., V. Premalatha, S. Ravindra, K. Vijayaraghavan, and R. Singh. 1997. Variability studies in some pure races and F1 hybrids of the silkworm *Bombyx mori L.* Environment and Ecology, 15: 3, 683-687.
13. Rudolf-Pilih, K., M. Petkovšek, J. Jakše, N. Štajner, J. Murovec, and B. Bohanec. 2019. Proposal of a new hybrid breeding method based on genotyping, inter-pollination, phenotyping and paternity testing of selected elite F_1 hybrids. Frontiers in Plant Science, 10:1111.
14. Seidavi, A. R., S. Z. Mirhoseini, A. R. Bizhannia, and M. Ghanipoor. 2008. Effect of parents' selection on the basis of cocoon weight on reproduction and resistance characters at lines of silkworm *Bombyx mori* L. Pajouhsh and Sazandegi, 78: 95-102. (In Persian)
15. Seidavi, A. R., and M. R. Goldsmith. 2014. Comparison of phenotypic value changes in pure lines of *Bombyx mori* (Lepidoptera: Bombycidae) during consecutive generations following initial selection on cocoon weight. Journal of Insect Science, 14(1):1–6.

16. Shivkumar, M. N., E. Ramya, E. Talebi, and G. Subramanya. 2018. Selection response for the expression of quantitative traits in the mulberry silkworm *Bombyx mori* L. International Journal of Current Microbiology and Applied Science. 7(11): 3456-3474.
17. Singh, T., M. Mohan Bhat, and M. Ashraf Khan. 2011. Critical analysis of correlation and heritability phenomenon in the silkworm, *Bombyx mori* (Lepidoptera: bombycidae). Advances in Bioscience and Biotechnology, 2:347-353.
18. Sudhakara Rao, S. P., R. K. Datta, K. M. Vijaya Kumari, and K. M. Ramesh Babu. 2002. Breeding resource materials of silkworm *Bombyx mori* L., adaptive to tropical climates. International Journal of Industrial Entomolgy, 4(2):109-115.
19. Zamani, P., M. Ghanipoor, S. Z. Mirhosseini, R. Abdoli, and A. Seidavi. 2019. Comparison of different selection strategies for mulberry silkworm, *Bombyx mori*. International Journal of Tropical Insect Science, 39: 139–145.
20. Zhao Y., K. Chen, and S. He. 2007. Key principles for breeding spring-and-autumn using silkworm varieties: from our experience of breeding 873×874. Caspian Journal of Environment Science, 5 (1): 57-61.

Iranian Journal of Animal Science Research
Vol. 13, No. 3, Fall 2021, p. 463-474

نشریه پژوهشهای علوم دامی ایران
جلد ۱۳، شماره ۳، پاییز ۱۴۰۰، ص. ۴۷۴-۴۶۳

Rejuvenation and Multiple-Trait Selection in the Five Chinese-Shape of Parental Silkworms

Moineddin Mavvajpoor[1], Seyed Ziaeddin Mirhosseini[2], Seyed Hossein Hosseini Moghaddam[3]*, Shahla Nematollahian[4], Farjad Rafiee[5], Navid Ghavi Hossein-Zadeh[6], Yuosof Kheirkhah[7]

Submitted: 09-08-2020
Accepted: 30-05-2021

Mavvajpoor, M., S. Z. Mirhosseini, S. H. Hosseini Moghaddam, Sh. Nematollahian, F. Rafiee, N. Ghavi Hossein-Zadeh and Y. Kheirkhah. 2021. Rejuvenation and Multiple-Trait Selection in the Five Chinese-Shape of Parental Silkworms. Iranian Journal of Animal Science Research 13(3):463-474.

Introduction Introducing new commercial lines is one of the goals of silkworm breeding centers in the world. Iran has the potential to introduce new lines for hybrid silkworm production due to its silkworm genetic resources and silkworm egg production technology. The performance of productive, reproductive and viability traits in the parental silkworms, including Japanese-shaped and Chinese-shaped lines, changes after several years for various reasons, including inbreeding. Therefore, after a few years, it is necessary to introduce new silkworm strains. Most silkworm breeding schemes in most of the countries are based on the introduction of the Chinese and Japanese-shaped lines to make commercial silkworm hybrid.

Material and Methods Five Japanese - shape lines of silkworms named 31, 103, 151, 153, and 1524 were selected from silkworm germplasm of Iran Silk Research Center in the spring of 2012. All genetic combinations obtained by using the diallel method of mating system (20 crosses) were reared in autumn 2012 and spring 2013. After two generations of mass rearing in each genetic combination, the reciprocal crosses in the diallel design were mixed to establish the basic generation of this breeding scheme. The selection program was based on independent culling levels (I.C.L.) method applied from 2014 to 2019 in the selected group. At the same time, all parental lines were reared as control by using a random mating system. Of the 10 genetic compounds, six combinations were retained and the rest were rejected. In this breeding program, due to the necessity of eliminating weak families, family selection, and individual selection were both used simultaneously. In the present study, the productive traits of cocoon weight, cocoon shell percentage, good cocoon percentage, number of cocoons per liter, and cocoon weight per liter were compared simultaneously in the genetic combinations and control lines. Two-factor analysis of variance (including 6 genotypes and 5 years) was performed in a completely randomized design with six replications; then the results were analyzed using SAS statistical software.

Result and Discussion In general, the effects of genotype, year and interaction effect of genotype and year were significant for all studied traits. Based on the average performance of each trait during selection program from 2016 to 2019 years (average performance of G2, G3, G4 and G5 generations), the cocoon weight in the combinations of

1- MSc, Researcher of Iran Silkworm Research Center, Guilan, Iran.
2- Professor, Department of Animal Science and Department of Sericulture, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Guilan, Iran.
3- Associate professor, Department of Animal Science and Department of Sericulture, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Guilan, Iran.
4- MSc, Research Instructor, Academic staff of Iran Silkworm Research Center, Guilan, Iran.
5- Assistant professor, Department of Agricultural Biotechnology, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Guilan, Iran.
6- Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Guilan, Iran.
7- Researcher of Iran Silkworm Research Center, Guilan, Iran.
(*- Corresponding author email: hosseini@guilan.ac.ir)
DOI:10.22067/ijasr.2021.38311.0

IRA1, IRA11 and IRA7 was more than the parental lines. This advantage was also seen in the trait of cocoon weight per liter. For the cocoon shell percentage, none of the genetic combinations in all the studied years were completely superior to parents. The response to selection for cocoon weight based on deviation from the maternal control line in IRA5 and IRA1 was positive and significant. The two genetic compounds, IRA1 and IRA3, whose parent was 103, had the highest genetic progression for cocoon shell percentage. Due to the superiority of the good cocoons percentage in IRA1, this genetic combination performed well in terms of cocoon economic traits. IRA9, whose cocoon weight gain was lower than the others, not only did not show any improvement in cocoon shell weight compared to the parent during these years, but also showed the lowest amount compared to other genetic combinations.

Conclusion The six new genetic compounds in this breeding program had the minimum requirements for the economically important traits of the silkworm. In other words, cocoon-related characteristics such as cocoon weight, good cocoon percentage of each family, and cocoon size are superior to all parental lines, then they could introduce to the silkworm gene bank. IRA1 was superior to parents in most of the studied traits. This genetic combination showed the best performance compared to the parent for both cocoon weight and cocoon shell percentage. Therefore it can be considered more in subsequent evaluations. IRA3 also responded relatively well. Other new genetic combinations did not have a significant advantage over their parents in terms of cocoon shell percentage. However, lower performance in some traits is not a reason for the new strain to be undesirable. Because the selection of the best paternal and maternal lines (Chinese-shaped and Japanese-shaped lines) will be determined after that the hybridization program was carried out to produce all hybrids and then the best hybrids were selected based on estimation of specific combining ability for all important traits.

Keywords: Genetic combinations, Independent culling levels method, Random mating, Selection, Silkworm.